

# Chingolos

Ana Barreira

11/10/2020

## PATRONES DE COLORACION CHINGOLOS

### 1) ESPECTROFOTOMETRIA

Con Pablito hicimos una prueba piloto midiendo espectros de reflectancia en tres posiciones de la cabeza. Siguiendo una linea recta en la cabeza yendo de un ojo al otro, medimos reflectancia en tres puntos (medidas 1 a 3) para luego comparar el promedio de estas tres mediciones entre ejemplares (Figura 1).



Figure 1: Figura 1: puntos de medicion de reflectancia

Ademas medimos la espalda en el centro arriba (4) y el costado del collar rufo (medicion 5, del lado que mejor se veia porque a veces queda escondido en el cuello de la piel)

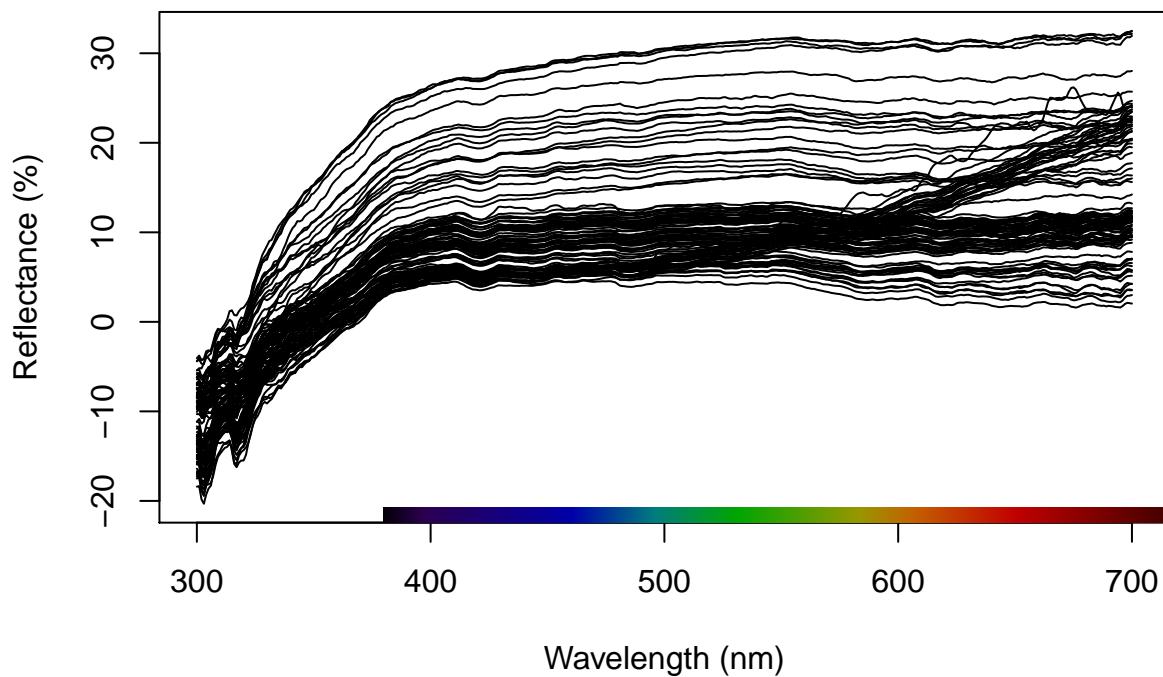
```
library(pavo)
```

```
## Welcome to pavo 2! Take a look at the latest features (and update your bibliography) in our recent p
```

```
chingos <- getspec("/Users/Ana/Desktop/Chingolos/Prueba espectrofotometria", ext = "txt", decimal = ",",
```

```
## 100 files found; importing spectra:
```

```
#visualizar los espectros, como para ver que sean mas o menos lo que esperamos  
plot(chingos)
```



```
#promediar los espectros que son replicas de un mismo individuo. En este caso tomamos tres puntos por b
```

```
chingos_bymeasurement <- aggspec(chingos, by = 5, FUN = mean)
```

```
#eliminar valores negativos (si hay)
```

```
chingos_bymeasurement_sn <- procspec(chingos_bymeasurement, fixneg='zero')
```

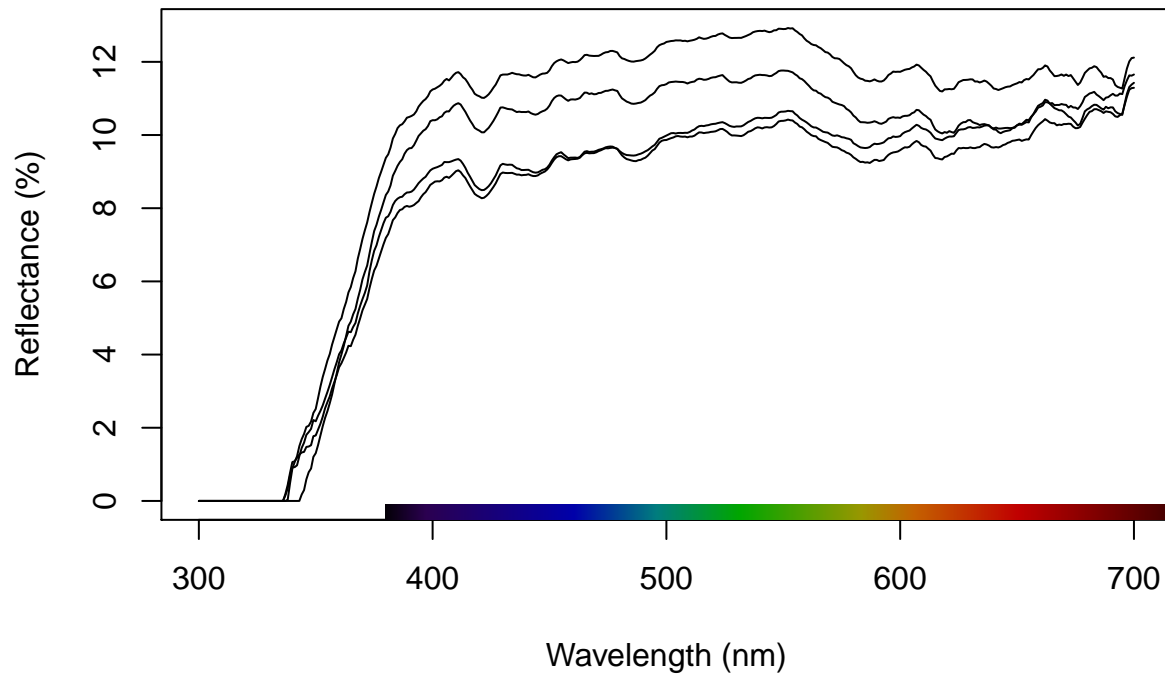
```
## processing options applied:
```

```
## Negative value correction: converted negative values to zero
```

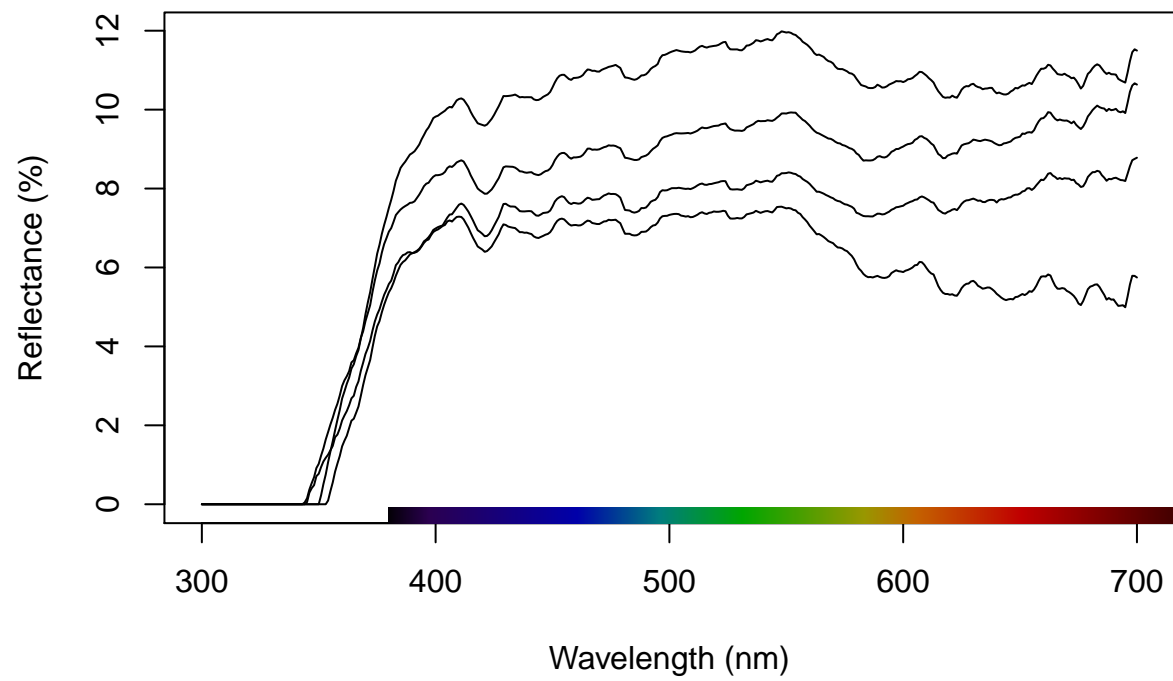
*#ahora hacemos subgrupos de espectros en base a los parches, tenemos que tener 4 espectros para cada un*

```
chingos_p1 <- subset(chingos_bymeasurement_sn, "_1_")  
chingos_p2 <- subset(chingos_bymeasurement_sn, "_2_")  
chingos_p3 <- subset(chingos_bymeasurement_sn, "_3_")  
chingos_p4 <- subset(chingos_bymeasurement_sn, "_4_")  
chingos_p5 <- subset(chingos_bymeasurement_sn, "_5_")
```

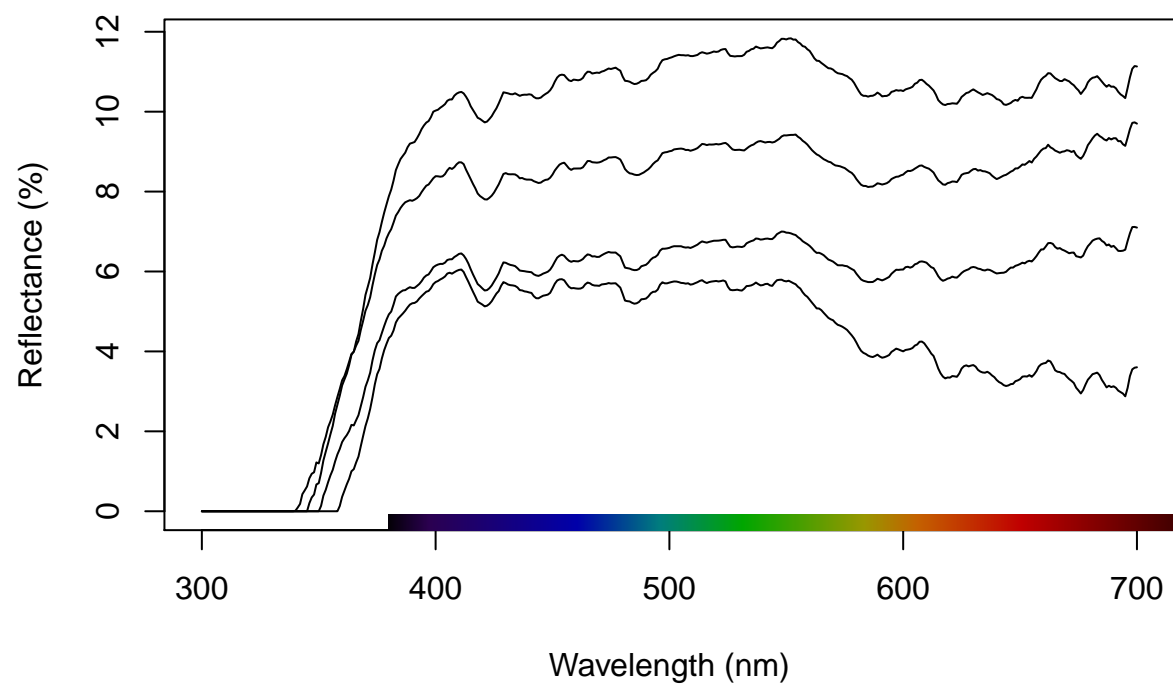
```
plot(chingos_p1)
```



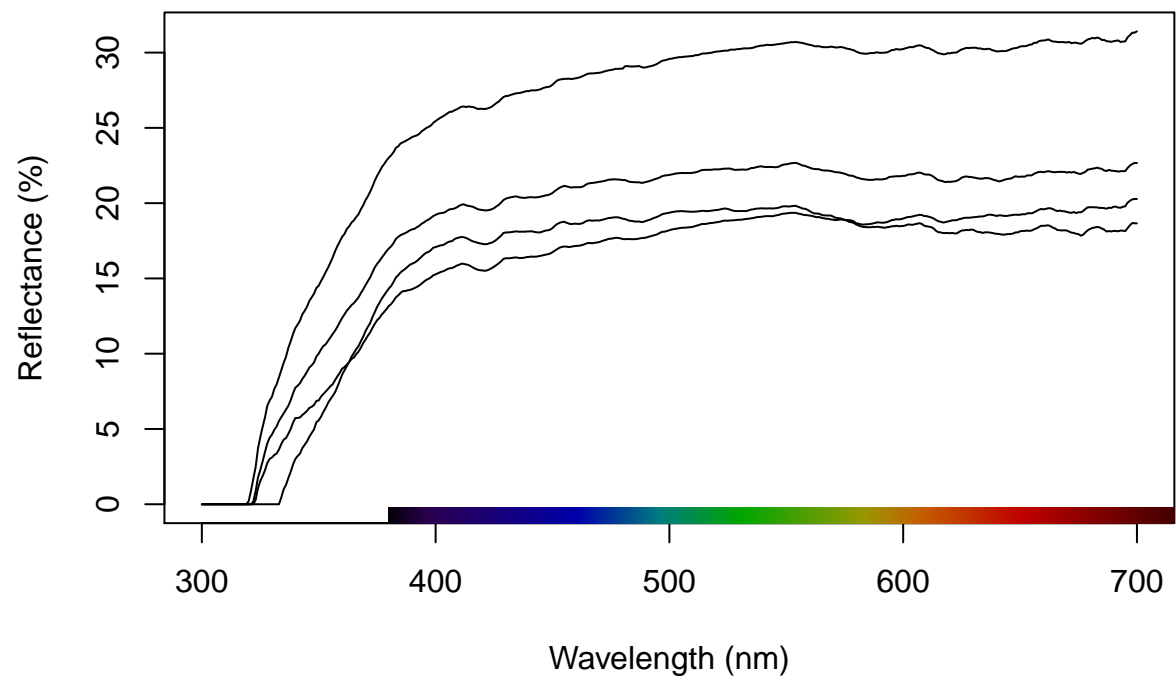
```
plot(chingos_p2)
```



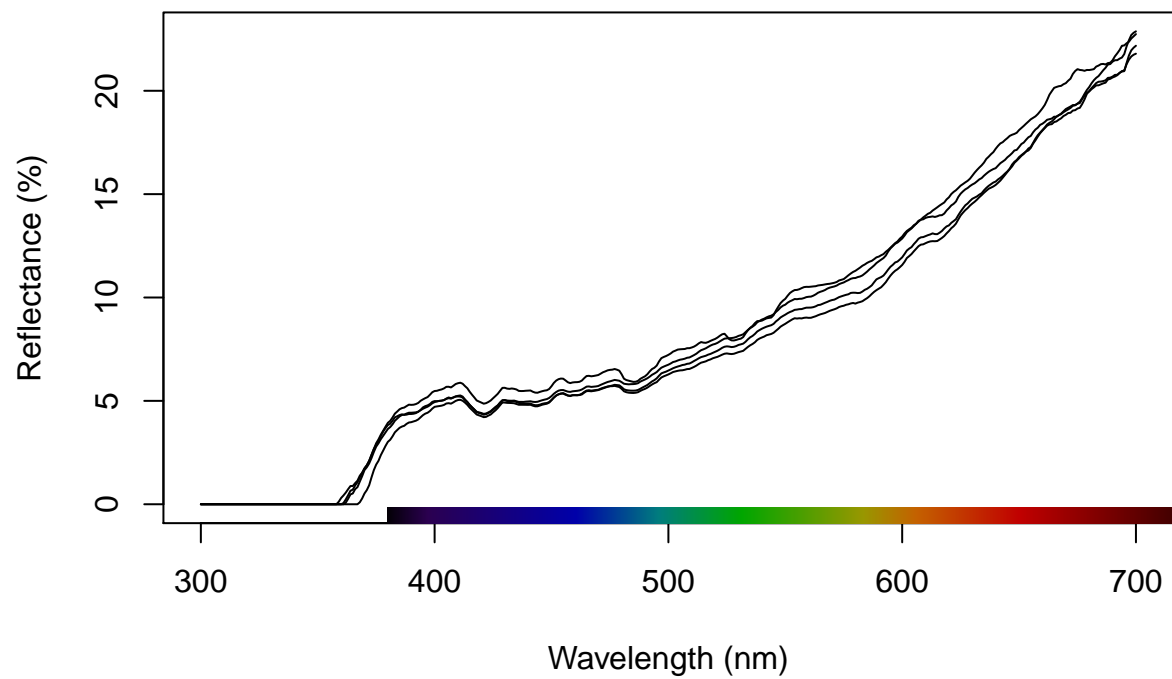
```
plot(chingos_p3)
```



```
plot(chingos_p4)
```

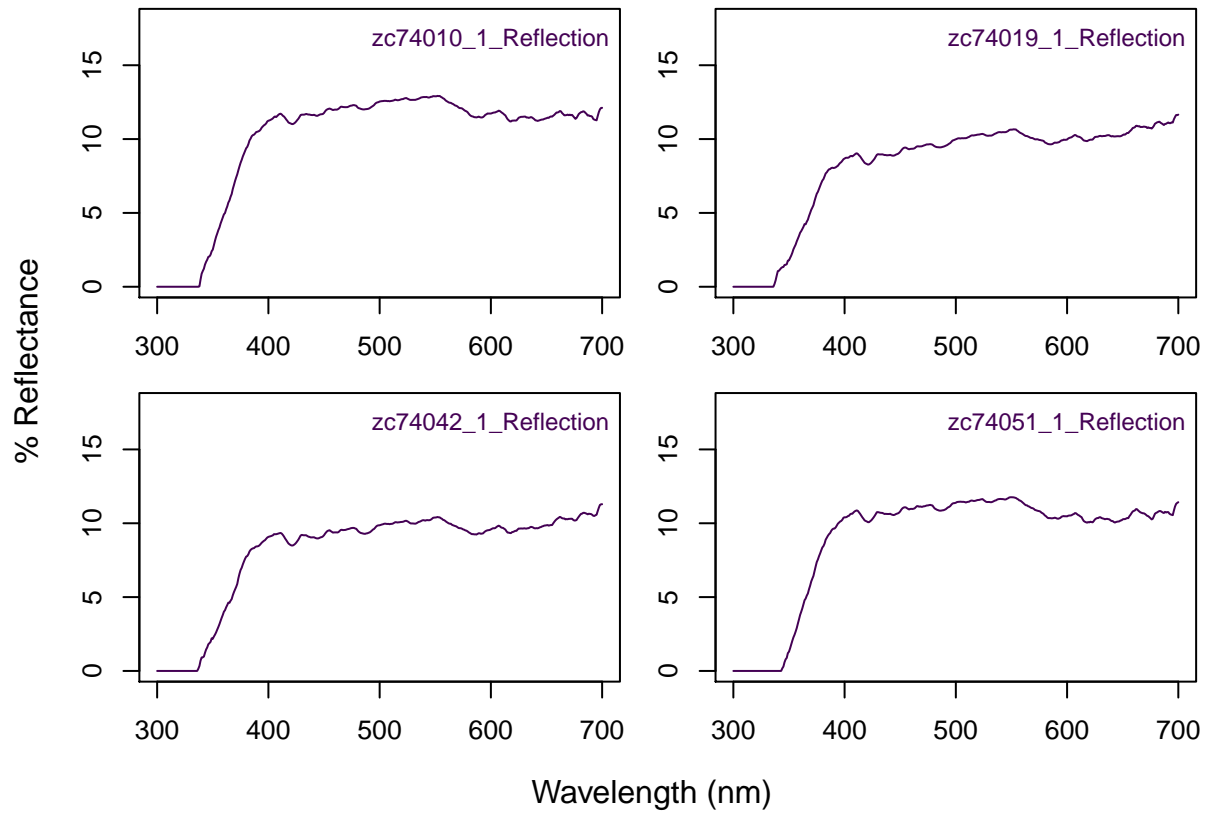


```
plot(chingos_p5)
```



El parche 5 (collar rufo) muestra que todos los bichos son similares... no separaria por subespecie. El resto muestrab variacion pero habria que ver si los agrupa por subespecie o son diferencias interindividuales...

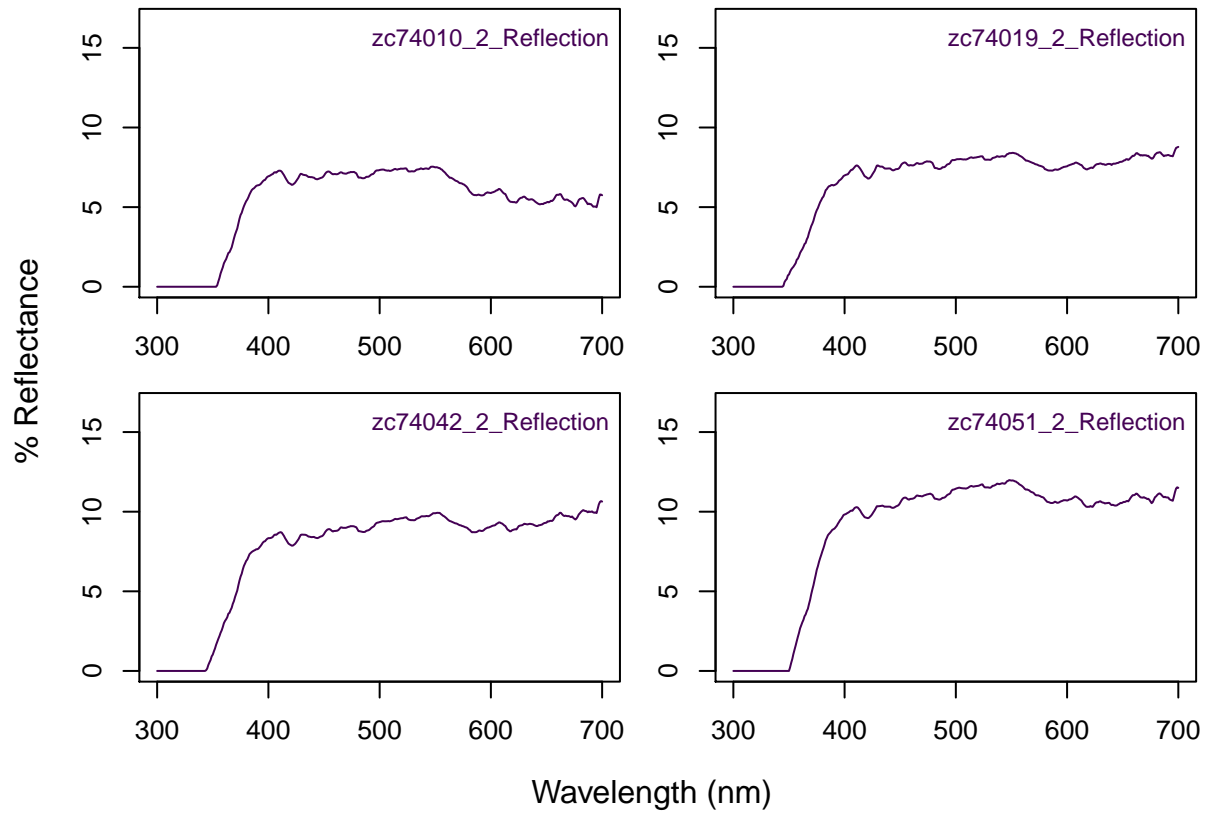
```
explorespec(chingos_p1)
```



*#el ploteo por individuo muestra que los dos que tienen reflectancia mas baja son uno de cada uno de los*

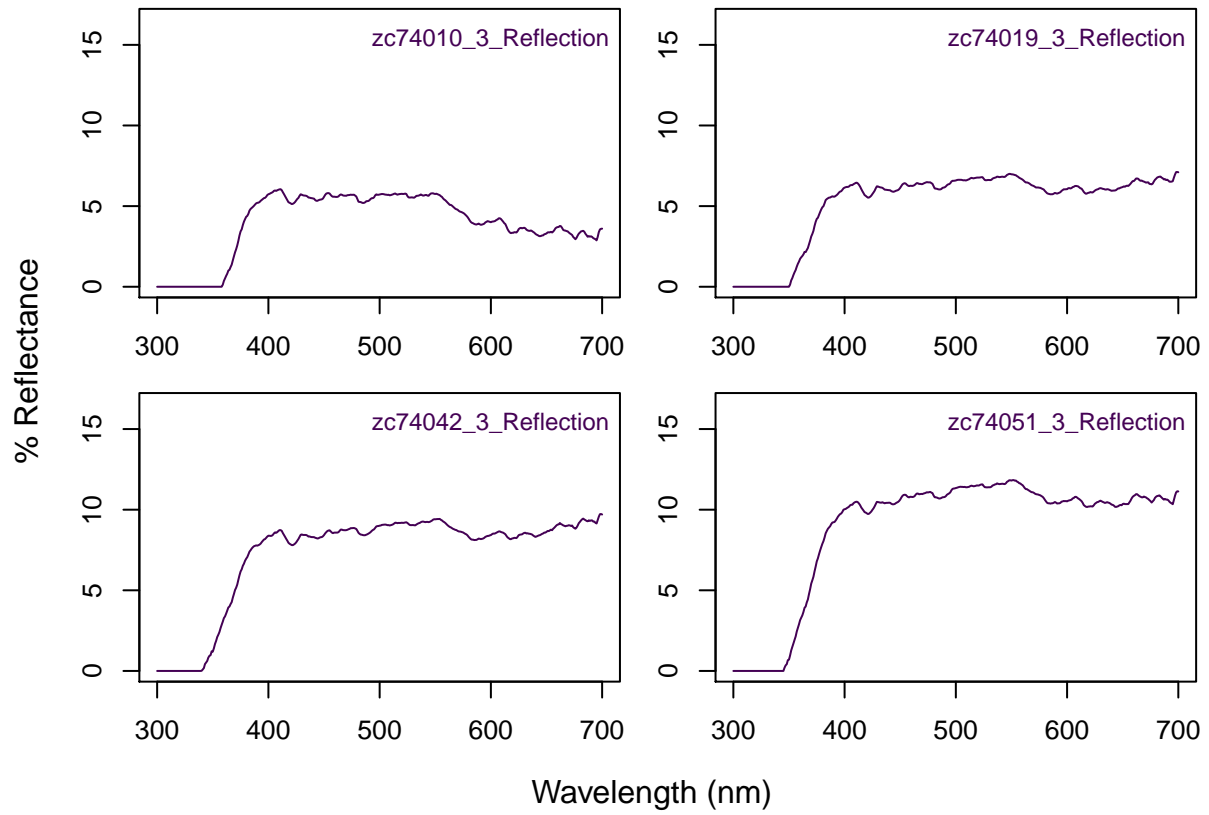
```
explorespec(chingos_p2)
```





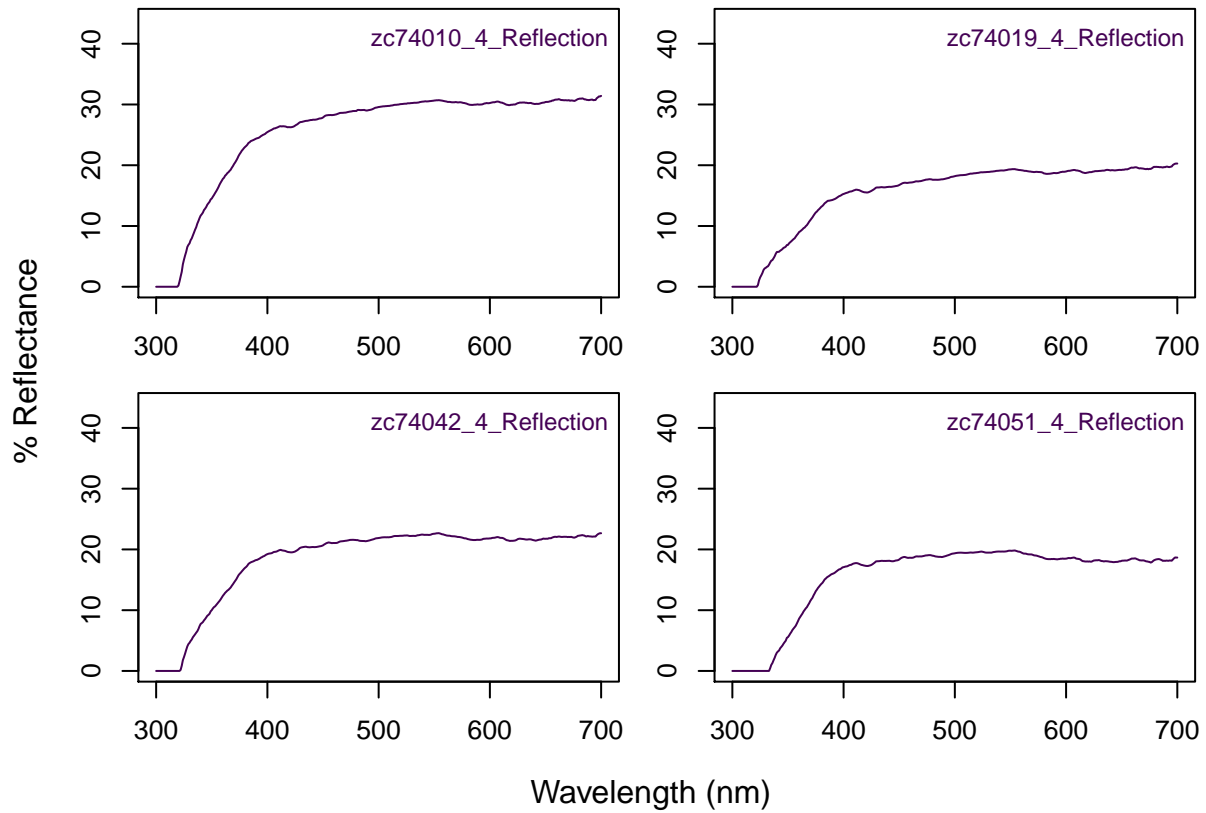
*#en este caso 10 y 19 tienen valores menores (<10% reflectancia), consistentes con sus franjas negras ma*

```
explorespec(chingos_p3)
```



*#lo mismo pasa en 3, consistente con 2 y lo esperado*

```
explorespec(chingos_p4)
```



*#en la espalda parece que uno de los chingolos "normales" tiene reflectancia mas alta que el resto, per*

Voy ahora a agrupar por “subespecie” y graficar con media y desvio para ver si en estas dos muestras por grupo se aprecian diferencias significativas, aunque obviamente no es lo mas correcto ni mucho menos. Tengo que renombrar los espectros para poder agruparlos... Bajar CSV, modificar nombres y volver a cargar.